



ارزیابی ساختار ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد در گندم نان (*Triticum aestivum* L.) با استفاده از روش دی آلل

فرهاد صادقی^۱

۱- استادیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، (نویسنده مسوول: fsadeghi40@yahoo.com)

تاریخ پذیرش: ۹۲/۶/۳۰

تاریخ دریافت: ۹۲/۳/۹

چکیده

به منظور برآورد خصوصیات ژنتیکی عملکرد و اجزای عملکرد از قبیل تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن ۱۰ سنبله گندم، وزن دانه در ۱۰ سنبله، هکتولیترا، وزن هزار دانه و عملکرد دانه از شش رقم گندم تجاری به نام‌های اترک، اروند، زرین، کرج-۳، M۷-17، نوید و نتاج آنها در قالب یک طرح تلاقی نیمه دی آلل استفاده شد. تلاقی‌های بین والدین در سال ۱۳۸۹-۱۳۸۸ انجام شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در ایستگاه تحقیقاتی ماهیدشت کرمانشاه در سال ۹۰-۱۳۸۹ اجرا شد. داده‌های حاصل با استفاده از روش دی آلل تجزیه و تحلیل شدند. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌داری بود. آزمون‌های ضریب رگرسیون و ایستتازی نشان داد، مدل افزایشی- غالبیت برای بیشتر صفات به غیر از وزن دانه و وزن ۱۰ سنبله گندم و عملکرد دانه کفایت نمود. نتایج بدست آمده از تجزیه هیمن نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات نقش دارند. بیشترین و کمترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی به صفات وزن هزار دانه و وزن هکتولیترا به ترتیب ۵۷ درصد و ۱۳ درصد تعلق گرفت. با توجه وجود اثر افزایشی در مواد تحت بررسی و اثر جمعی در انتقال ژن‌ها به نسل بعد، می‌توان از طریق گزینش در نسل‌های اولیه در افزایش صفات عملکرد و اجزای عملکرد دانه در برنامه اصلاح گندم نان استفاده نمود.

واژه‌های کلیدی: گندم نان، تجزیه گرافیکی هیمن، عملکرد و اجزای عملکرد، عمل ژن، وراثت‌پذیری

مقدمه

جمعیت کشور حدود ۱۱ میلیون تن گندم نیاز سالانه است. این در حالی است که ۳ تا ۵ میلیون تن گندم در سال وارد کشور می‌شود که در حقیقت برابر با میزان ضایعاتی است که در این بخش متحمل می‌شویم (۱۸). تولید و گسترش واریته‌های جدید گندم همواره مورد توجه به‌نژادگران گندم نان در

گندم نان یکی از محصولات راهبردی کشور و منبع اصلی تامین پروتئین و کالری بوده و به میزان ۴۵ درصد پروتئین و ۵۵ درصد از کالری مورد نیاز مردم کشور را تامین می‌نماید. میزان نان مصرفی برای هر نفر در سال بالغ بر ۱۶۰ کیلوگرم است که با توجه به

سنبلچه در سنبله و تعداد پنجه در بوته بیشتر توسط اثرات فوق غالبیت کنترل گردیدند.

عبدالرحمان رشید و همکاران (۱) با استفاده از پنج رقم گندم نان و روش نیمه دی آلل صفات عملکرد دانه و سایر اجزای آن را بررسی نمودند. نتایج نشان داد، بین ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد دیده شد. نمودار گرافیکی هیمن نشان داد که صفات تعداد پنجه در بوته، طول سنبله، تعداد دانه در بوته به وسیله اثرات افزایشی و غالبیت نسبی کنترل می‌شوند. صفت وزن هزار دانه به وسیله فوق غالبیت و ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود.

جوشی و همکاران (۱۳) در بررسی ژنتیکی صفات کمی و کیفی ده والد گندم هگزاپلوئید به روش تلاقی دی آلل گزارش نمودند، در گیاه خودگشن گندم اثر هتروتیکی بر اساس ترکیب‌پذیری خصوصی، تاثیر ناچیزی در اصلاح صفات دارد. تلاقی‌هایی که دارای SCA بالایی هستند، این حالت در نتیجه ترکیب‌پذیری عمومی برتر یکی از والدین است، که تعیین‌کننده تفکیک متجاوز مورد نظر است.

بارنلارد و همکاران (۳) بررسی ژنتیکی صفات کیفی گندم نان به روش تلاقی دی آلل به منظور تعیین توارث‌پذیری و قدرت ترکیب‌پذیری را در آفریقای جنوبی انجام دادند و توارث‌پذیری صفات کیفی گندم پیچیده و تحت کنترل صفات پلی‌ژنتیکی گزارش نمودند. این پژوهش‌گران نتیجه گرفتند که توارث‌پذیری خصوصی بالایی برای وزن هزار

دنیا بوده و خواهد بود (۶). تعیین روش‌های اصلاحی و گزینش مطلوب شانس اصلاح و ارتقاء ژنتیکی در گندم و هر غله دیگری را به طور چشمگیری افزایش می‌دهد. صفت عملکرد در گندم نان خیلی پیچیده و تحت تاثیر ژن‌های بسیار زیادی است. این صفت توسط چندین صفت دیگر مانند صفات اجزای عملکرد دانه که خود دارای توارث چند ژنی هستند، نیز کنترل می‌شود. گزارش‌های علمی نشان داد که برآورد وارث‌پذیری صفات مرفولوژی روی عملکرد دانه تاثیر زیاد و معینی ایفا می‌نمایند. این صفات به نسبت عملکرد دانه دارای توارث‌پذیری بیشتری بوده و کمتر تحت تاثیر عوامل محیطی هستند (۸).

زارع کوهان و حیدری (۲۷) با استفاده از روش نیمه دی آلل و پنج رقم گندم نان صفات عملکرد و اجزای عملکرد را بررسی نمودند. مشخص شد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی برای مطالعه صفات کافی نیست و اثرات متقابل بین‌آلی نیز در کنترل صفات حضور دارند. تجزیه گرافیکی به روش هیمن و متوسط درجه غالبیت نشان داد که عمل ژن در کلیه صفات به صورت غالبیت جزئی است. اجاقی و آخوندی (۲۲) به منظور بررسی توارث‌پذیری و اثرات ژنی عملکرد و صفات تعداد سنبلچه در سنبله، تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته در هشت والد گندم نان از یک طرح نیمه دی آلل استفاده نمودند. نتایج نشان داد که اثرات افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات نقش دارند. در این بررسی تعداد دانه در سنبله و ارتفاع بوته بیشتر توسط اثرات افزایشی و تعداد

روش اصلاحی و امکان ارزیابی، تولید ترکیب‌های مناسب و انتخاب افراد برتر در برنامه‌های به‌نژادی گندم می‌باشد.

مواد و روش‌ها

برای تهیه مواد ژنتیکی مورد نیاز و به منظور بررسی صفات عملکرد و اجزای عملکرد، شش رقم گندم تجاری به نام‌های اروند، اترک، زرین، کرج-۳، Mv-17 و نوید انتخاب (جدول ۱) و در سال زراعی ۸۹-۱۳۸۸ در ایستگاه تحقیقاتی ماهیدشت، کرمانشاه کشت گردیدند (۲۱).

دانه و هکتولیتز نیز وجود دارد. توپال و همکاران (۲۵) با استفاده از روش تلاقی دی‌آلل کامل ۴×۴ گندم دوروم نشان دادند که وزن هزار دانه و سختی بذر تحت اثر غالبیت ژن است.

بر طبق گزارش برخی از پژوهش‌گران توارث‌پذیری صفات کمی و کیفی دانه در گندم بالا می‌باشد (۱۹،۱۵). در صورتی که بعضی از محققین دیگر توارث‌پذیری کم برای این صفات گزارش نمودند (۲۲،۲). هدف از انجام این تحقیق، شناخت نحوه توارث صفات عملکرد و اجزای عملکرد به منظور تعیین نوع

جدول ۱- مشخصات صفات زراعی و کیفیت نانوائی والدین گندم‌های تجاری مورد استفاده

| نام رقم | منشاء | شجره | تیپ رشد | کیفیت نانوائی | عملکرد دانه |
|---------|----------|---------------------------------|---------|---------------|-------------|
| اروند | ایران | Rsh (M1-ky×My48) | بهاره | متوسط | خوب |
| اترک | مکزیک | Kauz"S" | بهاره | خوب | متوسط |
| زرین | ترکیه | PK15841 | بینابین | خوب | بسیار خوب |
| کرج-۳ | ایران | (Drc×M8p/Son64×TzPP-Y54) Nai 60 | زمستانه | خوب | خوب |
| Mv-17 | مجارستان | Mv-17 | زمستانه | ضعیف | خوب |
| نوید | ایران | (Kirkpinar 79) 63-112/66-2×7C | بینابین | ضعیف | بسیار خوب |

۱۲۰ کیلوگرم کود نیتروژن (N) از منبع کود اوره که به صورت تقسیط در سه مرحله آبیاری اول، مرحله ساقه‌دهی و مرحله گل‌دهی استفاده شد. مزرعه بعد از مرحله رشد مجدد پنج مرحله هر بار ۱۰۰ میلی‌متر آبیاری شد. در طول دوره داشت مراقبت‌های زراعی لازم از قبیل مهار علف‌های هرز با علف‌کش توفوردی (U-46-D) و مبارزه با آفت سن گندم (*Eyrugaster integriceps*) با سم فنتریپتون (Sumithion 50%) به مقدار ۱/۵ انجام شد. در زمان رسیدن مزرعه، برداشت کرت‌های

تلاقی‌های یک طرفه بین شش والد یاد شده به منظور تولید نسل‌های F₁ها انجام شد. در سال زراعی ۹۰-۱۳۸۹ آزمایش مقایسه کیفی بین شش والد فوق همراه با ۱۵ نتاج F₁ آنها (در مجموع ۲۱ تیمار) در طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار انجام شد. بافت خاک ایستگاه ماهیدشت از نوع رسی لومی و مقدار کودهای مصرفی با توجه به آزمون خاک به مقدار ۵۰ کیلوگرم در هکتار پتاسیم (K₂O) از منبع سولفات پتاسیم، ۷۰ کیلوگرم کود فسفر (P₂O₅) از منبع سوپر فسفات تریپل و

شد (۲۶،۱۷،۹).

اجزای واریانس شامل، واریانس افزایشی (D)، میانگین کواریانس‌های اثرات افزایشی و غیر افزایشی (F)، میانگین واریانس غالبیت (H₁)، میانگین واریانس غالبیت که بر اساس کنش ژن‌ها تصحیح شده است (H₂)، اثر غالبیت در کلیه مکان‌های ژنی (h²) و واریانس محیطی (E) برآورد می‌شوند. در ضمن فرمول برخی از اجزای ژنتیکی به شرح زیر می‌باشند (۱۲).

آزمایشی در چهار ردیف دو متری با حذف اثر حاشیه و به روش دستی انجام گردید. صفات اندازه‌گیری شده شامل تعداد سنبلیچه در سنبله، وزن ۱۰ سنبله گندم، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در ۱۰ سنبله، هکتولیت (وزن ۱۰۰ لیتر گندم)، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در کرت بود.

تجزیه و تحلیل‌های آماری به روش جینکز و هیمن (۱۱،۱۰) به منظور برآورد اجزاء واریانس با استفاده از نرم‌افزار Dial98 انجام

میانگین درجه غالبیت (۲۰)

$$\sqrt{\frac{H_1}{4D}}$$

نسبت ژن‌هایی با اثرات مثبت و منفی در والدین (۲۰)

$$\frac{H_2}{4H_1}$$

نسبت ژن‌های غالب به مغلوب در والدین (۲۰)

$$\left[\frac{1/2\sqrt{(4DH_1)+F/2}}{1/2\sqrt{(4DH_1)-F/2}} \right]$$

وراثت‌پذیری خصوصی (۲۰)

$$h^2n = \frac{D/4}{D/4 + H_1/16 - F/8 + E}$$

نتایج و بحث

معنی‌دار بودند و انجام تجزیه‌ها و برآورد خصوصیات ژنتیکی به روش تجزیه دی‌آل (هیمن) امکان‌پذیر است.

تجزیه واریانس ساده (جدول ۲) هفت صفت عملکرد و اجزای عملکرد نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های گندم نان در طرح تلاقی دی‌آل

| منابع | درجه آزادی | تعداد سنبلیچه در | وزن ۱۰ سنبله | وزن دانه در ۱۰ سنبله | وزن هزار دانه | عملکرد |
|-------------|------------|--------------------|---------------------|----------------------|--------------------|---------------------|
| | | سنبله | گندم | سنبله | دانه | |
| تکرار | ۲ | ۰/۰۳ ^{ns} | ۱۳/۴۷ ^{ns} | ۲۵/۷۰ ^{**} | ۳/۱۶ ^{**} | ۱۶/۴۷ [*] |
| ژنوتیپ | ۲۰ | ۴/۴۵ ^{**} | ۱۱۵/۳ ^{**} | ۵۴/۴۰ ^{**} | ۴/۷۵ ^{**} | ۳۸/۴۵ ^{**} |
| خطا | ۴۰ | ۰/۵۳ | ۸/۵۲ | ۲/۸۹ | ۰/۶۳ | ۷/۵۲ |
| ضریب پراکنش | -- | ۳/۴۱ | ۴/۵۶ | ۶/۳۹ | ۱/۰۳ | ۱۰/۵۶ |

ns، ** و * به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

مقایسه میانگین مربعات Vr-Wr نیز برای این صفات معنی‌دار نبود. بنابر این اثر اپیستازی ژن‌ها در کنترل بیشتر صفات وجود نداشت، یعنی فرضیات مدل هیمن صادق بود و می‌توان تجزیه و تحلیل گرافیکی دی‌آلل را به طور کامل برای آنها انجام داد (جدول ۳).

آزمون مقدماتی به روش جینکز و هیمن (۱۱) نشان داد که شیب خط رگرسیون Wr روی Vr برای بیشتر صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌داری از یک نشان نداد. در مقابل اختلاف شیب خط رگرسیون برای صفات وزن ۱۰ سنبله گندم و وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه معنی‌دار بود. علاوه بر این آزمون

جدول ۳- آزمون ضریب رگرسیون Wr روی Vr و آزمون اثر اپیستازی (Wr-Vr)

| پارامتر | تعداد سنبله در تعداد دانه در وزن ۱۰ سنبله | وزن ۱۰ سنبله | وزن دانه در ۱۰ سنبله | وزن هزار دانه | عملکرد |
|--------------------------|---|--------------------|----------------------|--------------------|--------------------|
| ضریب رگرسیون | ۰/۸۴۳ | ۰/۷۰۹ | ۰/۷۱۳ | ۱/۰۹۰ | ۱/۳۲۰ |
| H ₀ : = 1 : t | ۰/۲۵ ^{ns} | ۰/۹۵ ^{ns} | ۱/۰۳ ^{ns} | ۰/۲۹ ^{ns} | ۱/۱۵ ^{ns} |
| H ₀ : = 0 | ۱/۳۳ ^{ns} | ۰/۶۴ ^{ns} | ۲/۶۴* | ۱/۴۸ ^{ns} | ۴/۸۷** |
| H ₀ : = 0 | ۰/۳۹ ^{ns} | ۰/۳۵ ^{ns} | ۱/۴۵ ^{ns} | ۰/۷۰ ^{ns} | ۰/۳۸ ^{ns} |
| میانگین مربعات Vr+Vr | ۳۸/۷۷ | ۱۵/۱۸ | ۰/۱۷ | ۱۰/۹۰ | ۵۰۲/۳۰ |
| میانگین مربعات Vr-Vr | ۱۱/۳۶ | ۲/۸۲ | ۰/۲۷ | ۳/۹۰ | ۳۴/۶۰ |
| کفایت مدل | | | زیرین | Mv-17 | Mv-17 |

ns, ** و * به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

و عدم وجود اثر اپیستازی ژن‌ها و صادق شدن فرضیات مدل به همراه داشت (جدول ۳). به این ترتیب تجزیه و تحلیل هیمن به طور کامل برای کلیه صفات انجام شد (۲۴، ۲۳، ۲۰).

تجزیه واریانس هیمن برای صفات وابسته به عملکرد و اجزای آن در جدول ۴ درج شده است. در این جدول آماره‌های a و b برای کلیه صفات مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود و تنها صفت وزن ۱۰ سنبله گندم برای آماره a معنی‌دار نبود. شایان ذکر است، تجزیه‌های بعدی داده‌ها با استفاده از روش هیمن (۱۶)، برآورد Vr و Wr زمانی معتبر است که جزء b معنی‌دار باشد. آماره‌های

اما تفاوت معنی‌دار شیب خط رگرسیون Wr روی Vr از یک برای صفات وزن ۱۰ سنبله گندم، وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه نشان داد که عدم وجود اپیستازی یا اثرمتقابل ژن‌های کنترل کننده این صفات صادق نبود. برای رفع این مشکل و صادق بودن فرضیات مدل، برای صفات وزن دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه والد Mv-17 حذف و در صفت وزن ۱۰ سنبله گندم نیز والد زیرین حذف گردید. برای بار دوم تجزیه دی‌آلل و آزمون شیب خط رگرسیون Wr روی Vr انجام شد. حذف رقم‌های فوق برای این صفات، غیرمعنی‌دار شدن شیب خط رگرسیون از یک

دانه در ۱۰ سنبله و عملکرد دانه در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. آماره یاد شده هتروزیس خاص وابسته به هر والد را نشان می دهد. معنی دار شدن آن یعنی فراوانی آلل های غالب و مغلوب در والدین متفاوت بودند و توزیع نامتقارن ژن ها را نشان می دهد. جزء b3 آن بخش از انحراف غالبیت را آزمون می کند که بیشترین جزء غالبیت است و برابر با مقدار ترکیب پذیری خصوصی در روش گریفینگ است (۲۴،۲۳،۲۰). این جزء برای بعضی از صفات مانند وزن دانه در ۱۰ سنبله، وزن هکتولیتتر و وزن هزار دانه در سطح احتمال یک و پنج درصد معنی دار و در سایر صفات معنی دار نبود.

a و b به ترتیب، تنوع ناشی از عمل ژن ها را با اثرهای افزایشی و غالبیت نشان می دهند. این آماره ها برآوردی از ترکیب پذیری عمومی و خصوصی هستند. آماره b به اجزای b₁، b₂ و b₃ تفکیک می شود. جزء b₁ مقایسه بین میانگین F₁ ها و متوسط والد ها را تعیین می نماید و نشان دهنده غالبیت یک طرفه (جهت دار) می باشد. یعنی این جزء متوسط هتروزیس را آشکار می نماید (۲۳،۲۰). در جدول مشاهده می شود که این آماره نیز برای کلیه صفات اندازه گیری شده به غیر از تعداد سنبلچه در سنبله، هکتولیتتر و وزن هزار دانه در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود و غالبیت یک طرفه در صفات یاد شده مشاهده نشد. جزء b2 برای بیشتر صفات به غیر از وزن

جدول ۴- تجزیه واریانس صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه در ژنوتیپ های گندم نان در طرح تلاقی دی آلل

| منابع | درجه آزادی | تعداد سنبلچه در سنبله | تعداد دانه در سنبله | وزن ۱۰ سنبله گندم | وزن دانه در ۱۰ سنبله | وزن هزار دانه | وزن هزار دانه | عملکرد |
|--------|------------|-----------------------|---------------------|-------------------|----------------------|--------------------|---------------|--------------------|
| عامل a | ۵ | ۲۶۳/۲۰** | ۹/۲۴** | ۰/۲۲* | ۴۸/۴۰** | ۶/۵۹** | ۵۱/۳۸* | ۴/۰۵** |
| عامل b | ۱۵ | ۵۱/۹۱** | ۲/۴۰** | ۰/۵۹** | ۲۳/۳۰** | ۲/۹۹** | ۱۳/۹۹** | ۲/۳۴* |
| b1 | ۱ | ۲۴/۳۳* | ۴/۲۱** | ۰/۴۰** | ۱۲/۹۸** | ۰/۹۰ ^{ns} | ۲۵/۴۲** | ۸/۹۱** |
| b2 | ۵ | ۱۶۶/۵۴** | ۶/۰۰** | ۰/۳۱* | ۱۳/۷۹ ^{ns} | ۵/۵۰** | ۱۰/۱۴** | ۱/۵۰ ^{ns} |
| b3 | ۹ | ۹/۷۰ ^{ns} | ۰/۱۹* | ۰/۱۵* | ۱/۵۰* | ۱/۸۳** | ۱۴/۸۶** | ۱/۷۲* |
| خطا | ۷۰ | ۹/۶۹ | ۰/۵۶ | ۰/۰۶ | ۶/۶۹ | ۰/۶۲ | ۲/۸۷ | ۰/۸۳ |

ns ** و *: به ترتیب غیر معنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد.

عملکرد و اجزای عملکرد دانه به غیر از واریانس آماره D برای وزن ۱۰ سنبله و عملکرد دانه با توجه به مقدار SE مربوطه معنی دار بودند. در صفات وزن دانه در ۱۰ سنبله و وزن هزار دانه نقش اثر افزایشی (مقدار D) بیش از اثر غالبیت (مقدار H) بود.

برآورد شاخص های آماری و اجزاء ژنتیکی برای هفت صفت مورد مطالعه در جدول ۵ درج شده است. نتایج تجزیه واریانس ترکیبات اجزاء ژنتیکی در این جدول نشان داد که آماره D (واریانس افزایشی) و آماره های H₁ و H₂ (واریانس غیرافزایشی) برای بیشتر صفات

جدول ۵- برآورد اجزاء ژنتیکی صفات اندازه گیری شده بر اساس روش هیمن

| پارامتر | تعداد سنبلچه در سنبله | تعداد دانه در سنبله | وزن ۱۰ سنبله | وزن دانه در ۱۰ سنبله | وزن هکتولیترا | وزن هزار دانه | عملکرد |
|-------------------------------------|-----------------------|---------------------|--------------|----------------------|---------------|---------------|-------------|
| واریانس افزایشی | ۸۲/۸۷ ± ۱۸/۷۸ | ۲/۹۱ ± ۰/۶۴ | ۰/۱۰ ± ۰/۰۵ | ۱۳/۵۱ ± ۵/۸۰ | ۱/۹۸ ± ۰/۶۲ | ۱۶/۳۹ ± ۳/۵۷ | ۱/۰۶ ± ۰/۶۸ |
| واریانس غالبیت | ۱۲۸/۲۹ ± ۲۵/۱۴ | ۵/۵۵ ± ۰/۹۰ | ۰/۴۱ ± ۰/۱۲ | ۱۳/۹۹ ± ۶/۵۰ | ۵/۷۸ ± ۱/۰۰ | ۱۲/۰۲ ± ۳/۲۵ | ۲/۳۳ ± ۱/۰۲ |
| واریانس غالبیت | ۸۳/۷۳ ± ۱۶/۰۱ | ۳/۹۰ ± ۰/۶۱ | ۰/۳۶ ± ۰/۱۱ | ۱۱/۴۱ ± ۴/۹۰ | ۴/۱۰ ± ۰/۷۱ | ۸/۵۸ ± ۲/۱۷ | ۲/۱۱ ± ۰/۸۳ |
| فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب | ۴۴/۵۶ | ۱/۶۵ | ۰/۰۵ | ۲/۵۸ | ۱/۶۸ | ۳/۴۸ | ۰/۲۲ |
| اثر متقابل اثر افزایشی و غیرافزایشی | ۲۷/۱۰ ± ۱۱/۹۱ | ۴/۲۰ ± ۰/۹۲ | ۰/۰۸ ± ۰/۰۲ | ۶/۶۰ ± ۵/۶۶ | ۳/۰۹ ± ۰/۹۲ | ۱۱/۸۱ ± ۴/۲۹ | ۰/۸۹ ± ۰/۸۲ |
| اثر غالبیت در تمام مکان‌های زنی | ۸/۶۸ ± ۳/۷۷ | ۱/۳۸ ± ۰/۱۲ | ۰/۹۷ ± ۰/۱۲ | ۲۱/۸۷ ± ۱۱/۴۰ | ۰/۳۵ ± ۰/۰۸ | ۵/۲۵ ± ۳/۲۲ | ۲/۱۴ ± ۱/۳۰ |
| نسبت واریانس غالبیت به افزایشی | ۰/۷۷ ± ۰/۱۲ | ۰/۹۳ ± ۰/۱۲ | ۱/۰۳ ± ۰/۰۶ | ۱/۰۲ ± ۰/۲۸ | ۱/۶۸ ± ۰/۲۲ | ۰/۸۶ ± ۰/۰۹ | ۰/۵۵ ± ۰/۴۷ |
| تعداد گروه‌های ژنی | ۰/۰۵ | ۰/۳۶ | ۲/۶۹ | ۱/۹۱ | ۰/۰۲ | ۰/۹۹ | ۱/۰۱ |
| توزیع نسبی ژن‌های افزایشی و کاهنده | ۰/۱۶ | ۰/۱۴ | ۰/۲۳ | ۰/۲۱ | ۰/۱۷ | ۰/۱۹ | ۰/۲۳ |
| میانگین درجه غالبیت | ۰/۶۳ | ۰/۶۹ | ۱/۶۰ | ۰/۵۱ | ۰/۸۴ | ۰/۴۳ | ۰/۷۶ |
| توزیع نسبی ژن‌های غالب و مغلوب | ۱/۰۰ | ۱/۰۳ | ۱/۰۱ | ۱/۲۷ | ۱/۰۳ | ۱/۰۱ | ۱/۰۵ |
| توارث‌پذیری خصوصی | ۰/۲۴ ± ۰/۰۶ | ۰/۱۴ ± ۰/۰۵ | ۰/۲۱ ± ۰/۰۸ | ۰/۴۹ ± ۰/۰۷ | ۰/۱۳ ± ۰/۰۵ | ۰/۵۷ ± ۰/۰۵ | ۰/۲۰ ± ۰/۰۹ |

اثرات افزایشی در کنترل صفات امکان اصلاح در ژنوتیپ‌های تولیدی در جهت ارتقاء صفات کمی وجود دارد (جدول ۵).

آزمون برازش () از خط رگرسیون W_r روی V_r برای کلیه صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه نسبت به مبداء مختصات یا صفر اختلاف معنی‌داری نشان نداد، به این معنی خط رگرسیون از مبداء مختصات عبور نمود و صفات یاد شده تحت تاثیر غالبیت کامل ژن‌ها قرار دارند. پراکنش والد‌ها در طول خط رگرسیون نشان‌دهنده حضور ژن‌های غالب یا مغلوب و یا هر دو در والدین است. این پراکنش برای صفت تعداد سنبله در سنبله (شکل ۱) نشان داد که رقم اروند در دورترین نقطه نسبت به محل برخورد خط رگرسیون با محور W_r قرار گرفته است. در نتیجه رقم اروند برای صفت یاد شده حامل بیشترین تعداد ژن‌های مغلوب بود. رقم زرین در میانه خط رگرسیون قرار گرفت و حامل ژن‌های غالب و مغلوب بود. ارقام اترک، کرج-۳، $Mv-17$ و نوید در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور W_r قرار داشتند و دارای ژن‌های غالب بیشتری برای کنترل صفت بودند. در صفت تعداد دانه در سنبله ارقام اترک، کرج-۳ در دورترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور W_r قرار گرفته بودند و حامل ژن‌های مغلوب و سایر ارقام در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور W_r قرار گرفتند و بیشتر حامل ژن‌های غالب بودند (شکل ۲). درصفت وزن ۱۰ سنبله گندم (شکل ۳) رقم اروند در دورترین نقطه برخورد خط رگرسیون به محور W_r قرار گرفت و همین‌طور صفت یاد شده

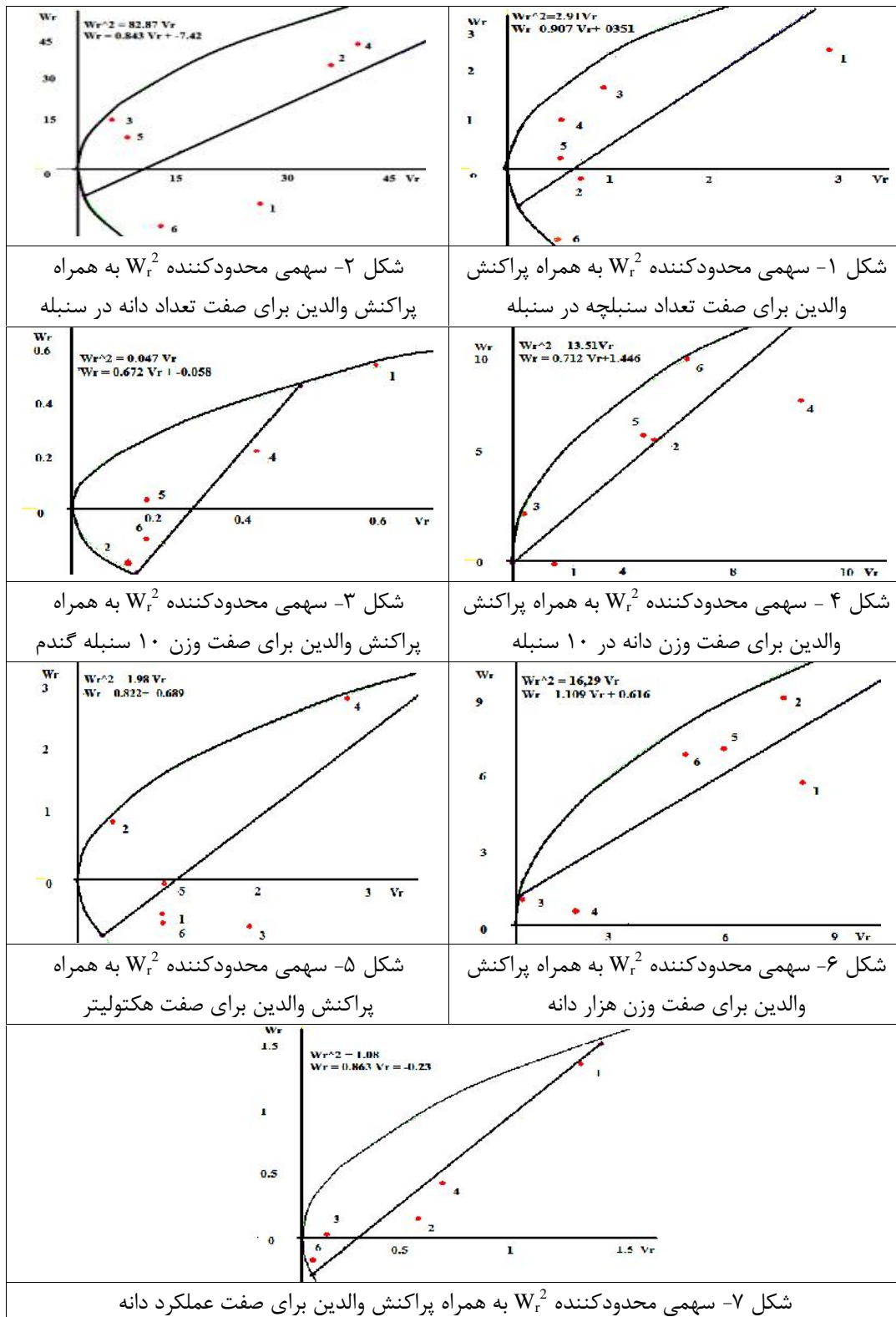
هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل صفات نقش داشتند. این نتایج با دستاوردهای پژوهش‌گران دیگر (۷،۴،۳) نیز مطابقت داشت.

با توجه به مقدار مثبت H_1-H_2 در تمام صفات مورد مطالعه همچنین به دلیل اینکه نسبت $H_2/4H_1$ در بیشتر صفات کمتر از ۲۵ درصد بود، می‌توان عنوان کرد که فراوانی آلل‌های غالب و مغلوب در صفات مورد بررسی برابر نمی‌باشد. آماره F برای صفات تعداد دانه در سنبله، وزن هکتولیترا و وزن هزار دانه معنی‌دار بود که نشان‌دهنده حضور بیشتر ژن‌ها با اثر کاهشی در کنترل صفات یاد شده است و در سایر صفات این آماره معنی‌دار نبود و نشان از حضور بیشتر ژن‌های با اثر افزایشی در کنترل این صفات است. برآورد تقارن ژن‌های غالب و مغلوب در والدین از طریق نسبت $[4DH_1/2^{0.5} + F/2] / [4DH_1/2^{0.5} - F/2]$ در حدود عدد یک بود و بیانگر تقارن ژن‌های غالب و مغلوب در کنترل صفات می‌باشد. این نتیجه با نتایج آماره‌های H_1 ، H_2 ، D و تجزیه گرافیکی هیمن همخوانی دارد. میانگین درجه غالبیت $(H_1/4D)^{1/2}$ در کلیه صفات کمتر از یک بود که از نظر آماری معنی‌دار نبود و با توجه آزمون t یا آزمون خط برازش از مبدا مختصات () نشان از اثر غالبیت کامل ژن‌ها یا عبور خط رگرسیون از مبدا مختصات بود (جدول ۳). بیشترین و کمترین میزان وراثت‌پذیری خصوصی به صفات وزن هزار دانه و وزن هکتولیترا به ترتیب ۵۷ درصد و ۱۳ درصد تعلق گرفت. وراثت‌پذیری خصوصی در سایر صفات بالا و قابل توجه بود. با وجود

حامل ژن‌های غالب و رقم نوید حامل ژن‌های فوق غالبیت بود.

در نتیجه‌گیری کلی می‌توان بیان نمود. ارقام پرمحصول زرین و نوید بیشتر حامل ژن‌های غالب در کنترل صفات اجزای عملکرد و عملکرد بودند. برآورد شاخص‌های آماری (جدول ۵) و نمودارهای سهمی به استفاده از روش هیمن تایید بر رفتار ژن‌ها به صورت اثر افزایشی و غیرافزایشی در کنترل صفات اجزای عملکرد و عملکرد دانه در گندم نان بود. بخش بزرگی از کل تنوع ژنتیکی مشاهده شده روی صفات توسط اثر افزایشی ژن‌ها کنترل می‌شوند. بنابر این برای بهبود آنها می‌توان از روش اصلاحی مبتنی بر تلاقی والدین منتخب و گزینش زودهنگام در برنامه‌های اصلاحی استفاده نمود. همچنین اثرات غیرافزایشی در کنترل صفات دخالت داشتند. بنابراین با تثبیت صفات و گزینش در نسل‌های آخر یا استفاده از روش دابل‌هاپلوئیدی و تولید لاین‌های خالص از نتایج برتر می‌توان استفاده نمود. این نتایج با دستاوردهای بیشتر پژوهش‌گران از جمله (۷،۵،۳) مطابقت دارد. حبیب و خان (۱۴) گزارش نمودند که عملکرد و اجزای عملکرد به میزان بسیار زیادی از اثرات افزایشی ژن‌ها تاثیرپذیر است. این نتایج ساختار مناسبی از وضعیت استقرار و رفتار ژن‌ها در کنترل صفات عملکرد و اجزای عملکرد آشکار می‌سازد و کلیدی در جهت انتخاب والدین با هدف ارتقاء سطح کمی مانند افزایش وزن هزار دانه، طول خوشه، وزن خوشه و افزایش تعداد سنبلچه‌ها در ارقام و لاین‌های تولیدی در ابتدای برنامه اصلاحی گندم است.

حامل ژن‌های مغلوب بود. رقم زرین در نقطه وسط خط رگرسیون قرار گرفت و دارای نسبت برابری از ژن‌های غالب و مغلوب در کنترل صفت بود. اما ارقام اترک، MV-17 و کرج-۳ در نزدیکی برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفت و بیشتر ژن‌های غالب در کنترل صفت نقش داشتند. در صفت وزن دانه در ۱۰ سنبله (شکل ۴) ارقام کرج-۳ و نوید در دورترین نقطه محل برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفتند و بیشتر دارای ژن‌های مغلوب بودند. رقم اترک در نقطه مایل به وسط خط رگرسیون قرار گرفت و حامل تعداد برابری ژن‌های غالب و مغلوب بود. اما ارقام اروند و زرین در نزدیکی محل برخورد خط رگرسیون با محور Wr قرار گرفتند و درصد بیشتری از ژن‌های غالب در کنترل صفت نقش داشتند. در صفت وزن هکتولیت (شکل ۵) رقم کرج-۳ در دورترین نقطه بود، یعنی بیشتر حامل ژن‌های مغلوب بود و سایر ارقام در نزدیک‌ترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr و دارای ژن‌های غالب بیشتری بودند. در صفت وزن هزار دانه (شکل ۶) ارقام اروند، اترک، MV-17 و نوید در دورترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr بودند، لذا بیشتر حامل ژن‌های مغلوب بودند. ارقام زرین و کرج-۳ در نزدیک‌ترین نقطه برخورد خط رگرسیون با محور Wr استقرار یافته و حامل درصد بیشتری از ژن‌های غالب در کنترل صفت یاد شده بودند. در صفت عملکرد دانه (شکل ۷) رقم اروند در دورترین نقطه و حامل ژن‌های مغلوب بود. رقم کرج-۳ در وسط خط رگرسیون، دارای تعداد متعادلی از ژن‌های غالب و مغلوب، ارقام اترک و زرین



در شکل‌های ۱ تا ۷ اعداد درج شده به ترتیب عبارت است از ۱- رقم اروند، ۲- رقم اترک، ۳- رقم زرین، ۴- رقم کرج-۳، ۵- لاین Mv-17 و ۶ رقم نوید می‌باشد.

منابع

1. Abdul Rehman Rashid, M., A. Salam Khan and R. Iftikha. 2012. Genetic Studies for Yield and Yield Related Parameters in Bread Wheat. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 12(12): 1579-1583.
2. Aycicek, M. and T. Yildirim. 2006. Heritability of yield and some yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Botany*, 35(1): 17-22.
3. Barnlard, A., T. Labuschange and H. Niekerk. 2001. Heritability estimates of bread wheat quality traits in the Western Cape Province of South Africa. *Euphytica*, 127: 115-122.
4. Cemal, Y., B. Faheem Shehzeol and O. Hakan. 2009. Genetic analysis of some physical properties of bread wheat grain. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 33: 525-535.
5. Da üstü, N. 2008. Genetic analysis of grain yield per spike and some agronomic traits in diallel crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 32: 249-258.
6. Edwards, I.B. 2001. Hybrid wheat. In: Bonjean, A.P. and W.J. Angus (eds.), *The World Wheat Book: A Hhistory of Wheat Breeding*, Lavoiser Publishers, Paris.1019-1045 pp.
7. El-Khayat, GH., J. Samaan, F.A. Manthey, M.P. Fuller and C.S. Brennan. 2006. Durum wheat quality I: some physical and chemical characteristics of Syrian durum wheat genotypes. *International Journal of Food Science and Technology*, 41: 22-29.
8. Fethi, B. and M. El-Gassh. 2010. Episis and Genotype by environment interaction of grain protein contentin durum wheat. *Genetic and Molrculer Biology*, 33(1): 125-130.
9. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Science*, 463-493.
10. Jinks, J.L. 1956. The F2 and backcross generations form a set of diallel crosses. *Heredity*, 10: 1-30.
11. Jinks, J.L. and B.I. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics*, 43: 223-234.
12. Jain, K. and G. Singh. 1978. Estimates of additive, dominance and additive additive genetic variances in common wheat. In: S. Ramanujam (Ed). *Fifth Int Wheat Genetics Symp*, New Delhi, India. 606-612 pp.
13. Joshi, S.K., S.N. Sharma, D.L. Singhanian and R.S. Sain. 2004. Combining ability in the F1 and F2 generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell). *Hereditas*, 141: 115-121.
14. Habib, I. and A.S. Khan. 2003. Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Titicum aestivum* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*, 2: 1153-1154.
15. Hanson, W.D. 1963. *Statistical Genetics and Plant Breeding*. National Academirs of Sciences, National Research Council No. 982. Heritability, 125-140 pp.
16. Hayman, B.I. 1954 a. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39: 789-809.
17. Hayman, B.I. 1958. The theory and analysis of diallel crosses. II. *Genetics*, 43: 63-85.
18. Iran-Nejad, H. and N. Shahbaziyan. 2005. *Cereal cultivation*. (Vol. D), Wheat. Karenoo Publications, Tehran, Iran, 272 pp. (In Persian)

19. Ketata, H., L.H. Edwards and E.L. Smith. 1976b. Inheritance of eight agronomic characters in a winter wheat crosses. *Crop Sciences*, 16: 19-22.
20. Moghaddam, M. and H. Amiri Oghan. 2010. Biometrical methods in quantitative genetic analysis (Translated). 139-203 pp. (In Persian)
21. Najafian, G., M.R. Jalal-Kamali and J. Azimian. 2008. Description of Iranian grown wheat cultivars and promising lines. Publishers Seed and Plant Improvement Institute. pp: 70, 86, 96, 108 and 116. (In Persian)
22. Ojaghi, J. and A. Akhundi. 2010. Genetic Effects for Grain Yield and its Related Traits in Doubled Haploid Lines of Wheat. *Int. International Journal of Agriculture and Biology*, 12(1): 86-90.
23. Sharma, R. 1998. Statistical and Biometrical techniques in plant breeding. Publishers H.S. Poplai for New Age International Limited, New Delhi. 178-197 pp.
24. Singh, R.P. and S. Singh. 1992. Estimation of genetic parameters through generation means analysis in bread wheat. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 52: 369-375.
25. Topal, A., C. Aydin, N. Akgun and M. Babaoglu. 2004. Diallel cross analysis in durum wheat: identification of best parents for some kernel physical features, *Field crops Research*, 87: 1-12
26. Ukai, Y. 2006. Analysis of full and half diallel tables (DIAL. 98). Virtual Institute of Statistical Genetics. <http://ibm.ab.u-tokyo.ac.jp/~ukai>.
27. Zare-kohan1, M. and B. Heidari. 2012. Estimation of Genetic Parameters for Maturity and Grain Yield in Diallel Crosses of Five Wheat Cultivars Using Two Different Models. *Journal of Agricultural Science*, 4(8): 74-85.

Estimation of Genetic Structure of Yield and Yield Components in Bread Wheat (*Triticum Aestivum* L.) using Diallele Method

Farhad Sadeghi¹

1- Assistant Professor, Agriculture and Natural Resources Research Center of Kermanshah
(Corresponding author: fsadeghi40@yahoo.com)

Received: May 30, 2013 Accepted: September 21, 2013

Abstract

In order to estimate gene action of yield and yield components characteristics such as Spikelet Number per Spike, Biomass Weight, Kernel Number per Spike, Seed weight of 10 spikes, Hectoliter Weight, 1000 kernel weight and Yield, six genotypes of bread wheat such as: Arvand, Atrak, Zarrin, Karaj-3, Mv-17 and Navid were used in a 6×6 half-diallel cross. The crosses among the parents were down in 2009-2010. The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replications at the research station Mahidasht Kermanshah, Iran in 2010-2011. Data were analyzed using diallel method. Analysis of variance showed significant differences ($P<0.01$) among the genotypes for all studied traits. Regression coefficient and epistasis tests showed fitness of additive-dominance model for most of the traits except grain yield, 10 spikes weight and seed weight in 10 spikes. Results of Hayman analysis showed that contributions of additive and non-additive effects were involved in control of the traits. Hayman's graphical analysis showed that A and B parameters were significant at 1% levels. The highest and the lowest heritability of traits belonged to hectoliter weight and 1000 grains weight, were 57% and 13%, respectively. Regarding presence of additive effects for understudy materials and cumulative effect of genes help early generations, screening of cultivars and it, in turn may improve yield and its components.

Keywords: Bread wheat, Hayman's graphical analysis, Yield and yield components traits, Gene action, Heritability